

目次

气候变化对中国夏季臭氧影响	胡安琪, 谢晓栋, 龚康佳, 侯宇晖, 胡建林 (1801)
基于 EOF 分解和 KZ 滤波的 2019~2021 年中国臭氧时空变化及驱动因素分析	王浩琪, 张裕芬, 罗忠伟, 王艳阳, 戴启立, 毕晓辉, 吴建会, 冯银厂 (1811)
华北工业城市夏季大气臭氧生成机制及减排策略	郑镇森, 姜建平, 张国涛, 李丽明, 徐勃, 杨文, 白志鹏 (1821)
2015~2020 年中国城市 PM _{2.5} -O ₃ 复合污染时空演变特征	牛笑笑, 钟艳梅, 杨璐, 易嘉慧, 慕航, 吴倩, 洪松, 何超 (1830)
2015~2021 年京津冀及周边地区 PM _{2.5} 和臭氧复合污染时空特征分析	宋小涵, 燕丽, 刘伟, 贺晋瑜, 王亚晨, 黄同林, 李园园, 陈敏, 孟静静, 侯战方 (1841)
2000~2020 年中国典型经济区 PM _{2.5} 时空变化及其与植被景观格局的关系	徐勇, 李欣怡, 黄雯婷, 郭振东, 盘钰春, 郑志威, 戴强玉 (1852)
北京市核心区冬春季大气离子沉降量特征及来源解析	赵宇, 李贝贝, 黄玉虎, 梁静, 杨洪玲, 秦建平, 朱玲 (1865)
南京近郊农田大气颗粒物及金属干沉降输入特征	刘翠英, 靳浩, 樊建凌 (1873)
西安冬季 PM _{2.5} 中不同极性水溶性有机物的污染特征及氧化潜势	罗玉, 黄沙沙, 张甜, 孙健, 沈振兴 (1882)
机动车源和民用燃料源颗粒物中有机碳和元素碳的排放特征	王红磊, 刘思略, 孙杰娟, 刘煥武, 赵天良, 裴宇僊, 可玥, 武自豪, 刘诗云 (1890)
伊犁河谷核心区春季 PM _{2.5} 组分特征及来源解析	谷超, 徐涛, 马超, 伊布提哈尔·加帕尔, 郭丽瑶, 李新琪, 杨文 (1899)
基于高分辨率网格的郑州市城镇居民 PM _{2.5} 暴露浓度与健康风险变化评估	李媛, 徐艺斐, 袁明浩, 苏方成, 王申博, 王克, 张瑞芹 (1911)
基于多源数据融合的河南省建材行业排放清单	刘晓, 胡京南, 王红梅, 杨丽, 张皓 (1924)
开封市城区冬季大气挥发性有机物污染特征及来源解析	施雨其, 郑凯允, 丁玮婷, 刘金平, 陈洪光, 高光, 王玲玲, 王楠, 马双良, 郑瑶, 谢绍东 (1933)
2020 年和 2021 年南京城区臭氧生成敏感性和 VOCs 来源变化分析	陆晓波, 王鸣, 丁峰, 喻义勇, 张哲海, 胡崑 (1943)
北京市城区夏季大气 VOCs 变化特征及臭氧生成潜势	张蕊, 孙雪松, 王裕, 王飞, 罗志云 (1954)
青岛市臭氧污染与非污染期间 VOCs 化学特征及来源解析	贾智海, 顾瑶, 孔翠丽, 宋江邦, 孟赫, 石来元, 吴建会, 刘保双 (1962)
基于总过氧自由基观测研究合肥市西郊夏季 O ₃ 生成特征	俞辉, 韦娜娜, 徐学哲, 刘芊芊, 姚易辰, 赵卫雄, 张为俊 (1974)
“大气十条”政策的节能降碳效果评估与创新中介效应	李少林, 王齐齐 (1985)
北京市减污降碳协同控制情景模拟和效应评估	俞珊, 张双, 张增杰, 翟艳芝, 刘桐坤 (1998)
基于不同排放清单的长三角人为 CO ₂ 排放模拟	马心怡, 黄文晶, 胡凝, 肖薇, 胡诚, 张弥, 曹畅, 赵佳玉 (2009)
武汉汉江水源水质变化趋势及风险分析	卓海华, 姜保峰, 徐杰, 陈洁, 陈杰, 兰秀薇, 范文重, 欧阳雪姣, 兰静 (2022)
长江武汉段水源地典型抗生素及抗性基因污染特征与生态风险评价	李柏林, 张贺, 王俊, 沙雪妮, 陈晓飞, 卓海华 (2032)
陕北矿区典型河流多环芳烃的赋存特征、来源及毒性风险分析	吴喜军, 董颖, 赵健, 刘静, 张亚宁 (2040)
典型湖泊有机聚集体时空特征及驱动因子	谢贵娟, 龚伊, 朱富成, 刘昌利, 卢宝伟, 邓辉, 汤祥明 (2052)
桂林市不同功能型公园水体微塑料的分布特征及风险评估	李沛钊, 吴莉, 黄菲菲, 林才霞, 舒小华, 张倩 (2062)
长江流域浮游植物群落的环境驱动及生态评价	张静, 胡愈圻, 胡圣, 黄杰 (2072)
环境异质性对三峡库区支流香溪河附石硅藻群落的影响及驱动作用	纪璐璐, 赵璐, 欧阳添, 杨宋琪, 郑保海, 杜雨欣, 李玉鑫, 李佳欣, 施军琼, 吴忠兴 (2083)
武汉市 3 种类型湖泊浮游植物群落特点及关键影响因素	张浩坤, 闵奋力, 崔慧荣, 彭雪, 张心怡, 张淑烟, 李竹栖, 葛芳杰, 张璐, 吴振斌, 刘碧云 (2093)
重金属污染对不同生境中微生物群落结构的影响	何一凡, 肖新宗, 王佳文 (2103)
毫清河水体细菌群落的结构和分布特征	王森, 陈建文, 张红, 李君剑 (2113)
微塑料暴露对小棒指软珊瑚 (<i>Sinularia microclavata</i>) 共生细菌群落结构和功能的影响	刘敏, 车文学, 曾映旭, 边伟杰, 吕淑果, 穆军 (2122)
上海市从源头到龙头的饮用水新型污染物分布特征及健康风险评价	严棋 (2136)
铝改性生物炭对水体低浓度氟的吸附特性	刘艳芳, 高玮, 刘蕊, 尹思婕, 张妙雨, 刘晓帅, 李再兴 (2147)
典型雌激素在微塑料上的吸附特征及位点能量分布	刘姜艳, 郑密密, 胡嘉梧, 柳玉荣, 贺德春, 潘杰 (2158)
面向工业园区废水臭氧氧化深度处理性能评价的模型污染物选择与评估	辛勃, 单超, 吕路 (2168)
基于地理探测器和多源数据的耕地土壤重金属来源驱动因子及其交互作用识别	张宏泽, 崔文刚, 刘绥华, 崔瀚文, 黄月美 (2177)
基于 APCS-MLR 和 PMF 模型的煤矸山周边耕地土壤重金属污染特征及源解析	马杰, 沈智杰, 张萍萍, 刘萍, 刘今朝, 孙静, 王玲灵 (2192)
基于蒙特卡罗模拟的铅锌冶炼厂周边农田土壤重金属健康风险评估	黄剑波, 姜登登, 温冰, 王磊, 石佳奇, 周艳 (2204)
基于 BP 神经网络预测北京市加油站周边土壤多环芳烃含量	马赛炎, 魏海英, 马瑾, 刘奇缘, 吴颐杭, 屈雅静, 田雨欣, 赵文浩 (2215)
石家庄市土壤中喹诺酮类抗生素时空分布及其风险评估	赵鑫宇, 陈慧, 赵波, 宋圆梦, 卢梦淇, 崔建升, 张璐璐, 李双江 (2223)
典型黑色岩系地质高背景区土壤和农产品重金属富集特征与污染风险	邓帅, 段佳辉, 宁墨兔, 谭林, 蒲刚, 陈际行, 齐小兵, 蒋尚智, 谢桃园, 刘意章 (2234)
岩溶区不同母质土壤 Cd 地球化学特征及玉米籽实 Cd 含量预测	戴亮亮, 徐宏根, 巩浩, 彭志刚, 肖凯琦, 吴欢欢, 许青阳, 郭军, 汤媛媛, 张俊 (2243)
龙岩市不同利用类型土壤及农作物 Pb、Cd 和 As 污染风险与贡献分析	王蕊, 陈楠, 张二喜 (2252)
小麦籽粒镉含量影响因素 Meta 分析和决策树分析	刘娜, 张少斌, 郭欣宇, 宁瑞艳 (2265)
黄土高原次生林演替过程土壤有机碳库及其化学组成响应特征	刘涵宇, 刘颖异, 张琦, 封伦, 高起乾, 任成杰, 韩新辉 (2275)
短期氮磷添加对祁连山亚高山草地土壤呼吸组分的影响	江原, 甘小玲, 曹丰丰, 赵传燕, 李伟斌 (2283)
黄河源区斑块退化高寒草甸土壤微生物多样性对长期封育的响应	杨鹏年, 李希来, 李成一, 段成伟 (2293)
不同海拔箭筈锦鸡儿根际和非根际土壤细菌群落多样性及 PICRUSt 功能预测	李媛媛, 徐婷婷, 艾喆, 魏庐璐, 马飞 (2304)
模拟酸雨及氮沉降对马尾松林土壤细菌群落结构及其多样性的影响	王楠, 钱少郁, 潘小承, 陈一磊, 白尚斌, 徐飞 (2315)
磷石膏和碱蓬对盐渍化土壤水盐及细菌群落结构的影响	刘月, 杨树青, 张万峰, 姜帅 (2325)
菌渣与化肥肥施对稻田土壤微生物群落组成及多样性的影响	耿和田, 王旭东, 石思博, 叶正钱, 周文晶 (2338)
增氧对不同秸秆还田稻田田面水养分动态及温室气体排放的影响	胡锦涛, 薛利红, 钱聪, 魏利祥, 曹帅 (2348)
外源褪黑素对胁迫下水稻幼苗生长和抗氧化系统的影响	储玉檀, 李颜, 黄益宗, 保琼莉, 孙红羽, 黄永春 (2356)
面向 2035 的节能与新能源汽车全生命周期碳排放预测评价	付佩, 兰利波, 陈颖, 郝卓, 邢云翔, 蔡旭, 张春梅, 陈轶嵩 (2365)
农田土壤微塑料分布、来源和行为特征	薄录吉, 李冰, 张凯, 马荣辉, 李彦, 王艳芹, 孙斌, 刘月岩 (2375)
农田土壤除草剂污染的修复技术研究进展	胡芳雨, 安婧, 王宝玉, 徐明恺, 张惠文, 魏树和 (2384)
我国黑土地农田土壤除草剂残留特征研究及展望	李睿, 吴秋梅, 赵归梅, 胡文友, 田康, 黄标, 吴祥为, 刘峰, 赵玉国, 赵永存 (2395)
《环境科学》征订启事(1910)	《环境科学》征稿简则(1984)
信息(2167, 2191, 2324)	

不同海拔鬼箭锦鸡儿根际和非根际土壤细菌群落多样性及 PICRUSt 功能预测

李媛媛^{1,2,3}, 徐婷婷⁴, 艾喆³, 魏庐潞¹, 马飞^{1,2,*}

(1. 宁夏大学生态环境学院, 银川 750021; 2. 宁夏大学西北土地退化与生态恢复国家重点实验室培育基地, 银川 750021; 3. 宁夏大学地理科学与规划学院, 银川 750021; 4. 宁夏大学生命科学学院, 银川 750021)

摘要: 鬼箭锦鸡儿作为我国北方高山和亚高山地区的主要建群植物, 是区域生态系统的重要组成部分, 但是很少有研究关注其对土壤生态系统的影响及其对环境变化的响应. 因而, 以鬼箭锦鸡儿为研究对象, 采用高通量测序技术, 分析了不同海拔鬼箭锦鸡儿根际和非根际土壤细菌群落多样性特征, 并进行了功能预测分析. 结果表明, 所有样品共检测到 43 门、112 纲、251 目、324 科和 542 属, 变形菌门、酸杆菌门和放线菌门是根际和非根际土壤中的优势菌群. 虽然不同海拔之间, 鬼箭锦鸡儿根际和非根际土壤细菌多样性指数和群落结构不存在显著差异, 但是在同一海拔水平上, 根际和非根际土壤细菌多样性指数和群落结构组成存在显著差异. PICRUSt 功能预测表明, 细菌群落主要涉及氨基酸代谢、碳水化合物代谢、辅助因子和维生素代谢等 29 个子功能, 表现出功能上的丰富性, 且代谢为最主要的功能. 土壤细菌二级代谢通路预测基因相对丰度的变化与变形菌门、酸杆菌门和绿弯菌门等菌群丰度显著相关, 并且土壤细菌预测功能基因组成的差异与土壤细菌群落结构的差异呈显著正相关, 说明细菌群落结构与功能基因可能存在密切联系. 研究初步探讨了不同海拔梯度下鬼箭锦鸡儿根际和非根际土壤细菌群落特征及其功能预测分析, 为高海拔地区建群植物的生态学效应及其对环境变化的响应提供了数据支撑.

关键词: 鬼箭锦鸡儿; 海拔; 土壤细菌; 群落结构; PICRUSt 功能预测

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)04-2304-11 DOI: 10.13227/j.hjxx.202204165

Diversity and Predictive Functional of *Caragana jubata* Bacterial Community in Rhizosphere and Non-rhizosphere Soil at Different Altitudes

LI Yuan-yuan^{1,2,3}, XU Ting-ting⁴, AI Zhe³, WEI Lu-lu¹, MA Fei^{1,2,*}

(1. School of Ecology and Environment, Ningxia University, Yinchuan 750021, China; 2. Breeding Base for State Key Laboratory of Land Degradation and Ecological Restoration in Northwest China, Ningxia University, Yinchuan 750021, China; 3. School of Geography and Planning, Ningxia University, Yinchuan 750021, China; 4. School of Life Science, Ningxia University, Yinchuan 750021, China)

Abstract: *Caragana jubata*, as the main dominant plant in the alpine and subalpine regions of northern China, is an important component of the local ecosystem. However, few studies have paid attention to its impact on the soil ecosystem and its response to environmental changes. Thus, in this study, we used high-throughput sequencing technology to investigate diversity and predictive function of rhizosphere and bulk soil bacteria communities of *C. jubata* from different altitudes. The results indicated that 43 phyla, 112 classes, 251 orders, 324 families, and 542 genera were obtained from the soil. The dominant phyla in all sample sites were Proteobacteria, Acidobacteria, and Actinobacteria. There were significant differences in bacterial diversity index and community structure between the rhizosphere and bulk soil at the same altitude, whereas the differences across altitudes were insignificant. PICRUSt analysis showed that the functional gene families were mainly related to 29 sub-functions, including amino acid metabolism, carbohydrate metabolism, and metabolism of cofactors and vitamins, and the abundance of metabolism was highest. There were significant correlations between the relative abundances of genes involved in the level II metabolic pathway of bacteria and phylum-level taxa, such as Proteobacteria, Acidobacteria, and Chloroflexi. The predicted functional compositions of soil bacteria also showed a significantly positive correlation with the dissimilarity in bacterial community structure, indicating that there was a strong relationship between bacterial community structure and functional genes. This study preliminarily discussed the characteristics and functional prediction analysis of bacterial communities in the rhizosphere and bulk soil of *C. jubata* at different altitudinal gradients, which provided data support for the ecological effects of constructive plants and their responses to environmental changes in high altitude areas.

Key words: *Caragana jubata*; altitude; soil bacteria; community structure; function prediction with PICRUSt

土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分, 通过参与物质循环及碳素转换, 影响土壤结构和质量的变化. 有研究表明, 土壤微生物群落多样性可以用来表征土壤生态系统功能稳定性及其环境影响^[1,2]. 根际是受植物根系活动影响的微域环境, 在这一区域内植物、土壤和微生物间互作关系十分复杂^[3]. 根际土壤微生物介导着根系与土壤间养分的转换和运输, 在促进植物生长和调节资源分配方面发挥着重要作用^[3]. 近年来, 随着高通量测序技术

(high-throughput sequencing) 的发展, 研究土壤微生物群落结构组成及其分布规律已经引起学者们的极大关注^[4], 而且 PICRUSt (phylogenetic investigation of communities by reconstruction of unobserved states) 能够通过比对微生物 16S rRNA 的信息与代谢功能的

收稿日期: 2022-04-14; 修订日期: 2022-07-01

基金项目: 国家自然科学基金项目(31860142)

作者简介: 李媛媛(1996~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤微生物与植被恢复, E-mail: 1873952369@qq.com

* 通信作者, E-mail: mafei05@163.com

参考基因组数据库,实现对微生物菌群代谢功能的预测^[5],为进一步深刻认识和理解土壤微生物群落结构组成及功能特征提供了新途径。

土壤微生物对环境变化极为敏感,环境因子的微小改变会引起微生物群落多样性的显著变化^[6]。有研究表明,降水量、海拔、土壤 pH、有机质和植物功能性状均能引起土壤细菌群落多样性改变^[7~11]。其中,海拔梯度的变化会引起较短地理距离内降水和温度的改变,对植被类型及土壤属性产生影响^[10],进而影响土壤微生物多样性和群落结构组成。然而,现有研究中土壤细菌群落多样性与海拔的关系并无统一论,如 Shen 等^[9]研究乞力马扎罗山时发现,随海拔的升高土壤细菌多样性呈下凹型;Ren 等^[11]对太白山不同海拔梯度的研究中,发现土壤细菌多样性与海拔呈现驼峰型;安前东等^[12]研究指出,在西藏色季拉山植被带,土壤细菌多样性随海拔升高而显著降低,且土壤细菌优势菌与海拔呈显著相关性。而且,目前的研究多关注于不同类型生态系统下土壤微生物的响应及影响因素,对于植物根际微生物,特别是对于具有固氮能力的豆科植物,其根际微生物如何响应海拔梯度的变化却鲜见研究。

鬼箭锦鸡儿(*Caragana jubata*)隶属豆科锦鸡儿属,是我国北方高山和亚高山地区的主要建群植物,在维持区域生态系统结构和功能稳定方面发挥着重要作用^[13]。然而,在气候变化背景下,温度升高、降水格局变化将对陆地生态系统,尤其是对高山生态

系统产生重要的影响^[14],研究高山建群植物如何影响生态系统结构及其对环境变化的响应,将有助于深刻理解未来气候变化的生态效应及应对策略的制定。目前,关于鬼箭锦鸡儿的研究多集中在叶片形态结构、抗旱性及药用价值方面^[15~17],虽然 Na 等^[18]对不同生境下鬼箭锦鸡儿根际土壤细菌多样性及群落结构进行了报道,但是,其研究并没有明确植物根际和非根际土壤微生物群落多样性之间的差异及其如何响应海拔梯度的变化,而且对于细菌代谢功能的预测也缺乏相应分析。鉴于此,本文以高山建群灌木种鬼箭锦鸡儿为研究对象,通过分析不同海拔梯度下鬼箭锦鸡儿根际和非根际土壤细菌多样性及群落结构差异,探讨建群种鬼箭锦鸡儿如何影响土壤细菌多样性和群落结构,并利用 PICRUSt 方法对土壤细菌群落生态功能进行预测,通过阐明不同海拔下鬼箭锦鸡儿的生态学效应,以期为其对环境变化的响应和适应提供数据支持。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于我国北方半干旱区(E99.67°~102.84°,N34.50°~38.16°),该区域气候类型东部属于温带大陆性气候,西部为高原山地气候,海拔变化范围为2901~3957 m,年均温在-3.55~-0.98℃,年均降水量在315.65~524.58 mm。各采样点详细地理及气候因子信息见表1,获取方法参考文献[15]。

表1 鬼箭锦鸡儿各采样点地理和气候因子信息

Table 1 Geographical and climatic information of each sampling site of <i>C. jubata</i>					
样点编号 ¹⁾	经度(E)/(°)	纬度(N)/(°)	海拔/m	年均温/℃	年均降水量/mm
HCJ1	100.41	34.50	3957	-2.53	524.58
HCJ2	99.67	34.82	3754	-3.55	437.95
HCJ3	101.81	37.82	3537	-2.95	380.93
LCJ1	100.94	38.16	2979	-3.44	323.19
LCJ2	100.33	38.10	2956	-1.35	315.65
LCJ3	102.84	37.22	2901	-0.98	365.66

1)HCJ:高海拔鬼箭锦鸡儿(*C. jubata* from high altitude),LCJ:低海拔鬼箭锦鸡儿,(*C. jubata* from low altitude),下同

1.2 土壤样本采集与分析

本试验于2020年8月进行,在鬼箭锦鸡儿的每个采样点,设置3个20 m×20 m的样方,在每个样方内选取长势一致的3株植株,挖取植株根系,用无菌剪刀快速剪下直径小于2 mm的根,混合成1个样本后,转至5 mL 无菌离心管中,用于提取根际土壤;同时,在每个样方的植株根系附近(<3 cm)采集非根际土壤样品,混合后,装入5 mL 无菌离心管中,置于液氮中保存^[19,20],即每个样点分别采集根际和非根际土壤样本各18个,共计36个土壤样本。

然后,利用土钻在每株植株根系附近采集0~20 cm 土壤,每个样方采集3个混合样品,共计18个土壤样品,带回实验室后测定土壤理化性质,用于表征每个样点的土壤状况。

土壤理化性质测定参照文献[21],测定指标包括土壤 pH、土壤含水量(soil water content,SWC)、全磷(total phosphorus,TP)、全氮(total nitrogen,TN)和土壤有机碳(soil organic carbon,SOC)。

1.3 土壤细菌 DNA 提取、PCR 扩增和测序

采用 ALFA-SEQ Advanced Soil DNA Kit 试剂盒

提取土壤细菌 DNA,方法参照操作说明.使用 ThermoNanoDrop One 检测 DNA 的纯度和浓度.以基因组 DNA 为模板,根据测序区域的选择,使用带 barcode 的特异引物及 TaKaRa Premix Taq® Version 2.0(TaKaRa Biotechnology Co., Dalian, China)对细菌 16S rDNA V4-V5 区进行 PCR 扩增,引物为“GTGCCAGCMGCCGCGGTAA”和“CCGTCAATTCMTTTRAGTTT”.PCR 扩增反应体系和条件参照文献[22].使用 1% 琼脂糖凝胶进行电泳检测 PCR 产物,采用 Illumina Nova 6000 平台对构建的扩增子文库进行 PE250 测序.基因测序由广东美格基因科技有限公司提供技术支持.

1.4 数据分析

使用 FASTP V0.14.1 软件对原始数据进行过滤,用 FLASH V1.2.11 软件对数据进行拼接;利用 USEARCH V8.1.1861 软件去掉嵌合体并对处理后的序列进行聚类分析,相似性水平为 97%;采用 UPARSE 软件将 OTU 的代表序列与 Silva 16S 数据库进行比对,得到 OTU 分类学信息并进行分析.通过 PICRUSt 对 OTU 丰度表进行标准化,将 OTU 对应的 greengene id 比对 KEGG 数据库进行功能通路预测.使用 QIIME V1.9.1 软件对 OTU 进行多样性指数计算.利用 SPSS 22.0 对土壤理化性质、土壤细

菌群落优势门和属进行单因素方差分析.通过广东美格基因科技有限公司平台绘制 OTU 数目 Venn 图、细菌多样性指数箱线图、主坐标分析(principal coordinate analysis,PCoA)图、门水平相对丰度、属水平热图和 PICRUSt 基因功能预测.运用 R(V. 4.1.2)软件 Vegan 包进行相似性分析(analysis of similarities,ANOSIM)表征同一海拔植物根际和非根际土壤细菌群落结构的差异性.利用 Canoco 5.0 进行生态因子与土壤细菌群落结构的冗余分析(redundancy analysis,RDA).

2 结果与分析

2.1 样地土壤理化性质分析

由表 2 可知,高海拔土壤中,鬼箭锦鸡儿土壤 pH 变化范围为 6.60~8.07,土壤含水量(SWC)为 0.27%~0.59%, $\omega(\text{SOC})$ 为 41.31~69.71 g·kg⁻¹, $\omega(\text{TN})$ 为 2.86~5.24 g·kg⁻¹和 $\omega(\text{TP})$ 为 0.50~0.88 g·kg⁻¹.低海拔土壤中,鬼箭锦鸡儿土壤 pH 变化范围为 8.04~8.15,土壤 SWC 为 0.47%~0.69%, $\omega(\text{SOC})$ 为 55.15~72.21 g·kg⁻¹, $\omega(\text{TN})$ 为 3.14~5.91 g·kg⁻¹和 $\omega(\text{TP})$ 为 0.64~0.71 g·kg⁻¹.在高海拔和低海拔土壤中,鬼箭锦鸡儿土壤 pH 和 SWC 存在显著性差异.

表 2 不同海拔梯度下鬼箭锦鸡儿土壤理化性质¹⁾

Table 2 Soil physicochemical properties of *C. jubata* at different altitudes

样点编号	pH	SWC/%	$\omega(\text{SOC})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{TN})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{TP})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$
HCJ1	6.60±0.07	0.59±0.13	69.71±5.97	5.24±0.40	0.88±0.01
HCJ2	8.07±0.09	0.37±0.05	45.02±5.83	4.55±0.56	0.59±0.01
HCJ3	7.71±0.10	0.27±0.02	41.31±2.49	2.86±0.07	0.50±0.03
LCJ1	8.04±0.07	0.66±0.12	62.73±6.56	5.91±0.27	0.66±0.02
LCJ2	8.08±0.03	0.69±0.04	72.21±1.34	3.14±0.64	0.71±0.02
LCJ3	8.15±0.05	0.47±0.01	55.15±3.48	4.52±0.82	0.64±0.01
HCJ	7.46±0.23b	0.41±0.06b	52.01±5.21a	4.22±0.41a	0.65±0.06a
LCJ	8.09±0.03a	0.61±0.05a	63.36±3.29a	4.52±0.51a	0.67±0.01a

1) 数据为平均值±标准误差;同列不同字母表示差异显著($P<0.05$)

2.2 土壤细菌 DNA 测序分析

由测序结果可知,不同海拔鬼箭锦鸡儿根际和非根际土壤中,共得到有效序列3 179 657条,质控过滤和去除嵌合体后得到3 069 541条优质序列.依据物种 Venn 图分析所有样品测得的总 OTU 数目为 39 100个[图 1(a)],其中共有的 OTU 数为12 086 个,约占总数的 30.9%.高海拔根际土壤中特有的 OTU 数目为6 332个,约占 16.2%,而非根际为9 101 个,约占 23.3%.低海拔根际土壤中特有的 OTU 数目为2 371个,约占 6.1%,而非根际为9 210个,约占 23.6%.从图 1(b)可以看出,不同海拔根际和非根际土壤中 OTU 分布数目由大到小的排序为:LB>

HB>HR>LR.

2.3 根际和非根际土壤细菌多样性分析

由图 2 可知,在同一海拔,鬼箭锦鸡儿根际土壤中细菌 Chao1 指数和香农指数均显著低于非根际.然而,鬼箭锦鸡儿根际、非根际,在不同海拔梯度下土壤细菌多样性无显著差异.此外,本研究结果表明,根际和非根际土壤细菌多样性指数与海拔之间无显著相关性(图 3).

2.4 根际和非根际土壤细菌群落结构及优势物种差异

基于 Bray-Curtis 距离的主坐标分析(PCoA)结果表明,同一海拔鬼箭锦鸡儿根际和非根际土壤细

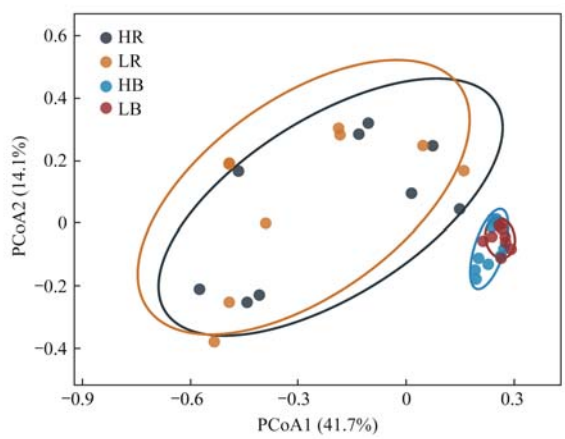


图 4 不同海拔梯度下根际和非根际土壤细菌群落结构的主坐标分析 (PCoA)

Fig. 4 Principal coordinate analysis (PCoA) of soil bacterial community structures in rhizosphere and bulk soil of *C. jubata* at different altitudes

由表 3 可知,鬼箭锦鸡儿根际和非根际土壤细菌优势门存在显著差异,其中,根际土壤中变形菌门和放线菌门相对丰度显著高于非根际,而酸杆菌门、浮霉菌门、芽单胞菌门和疣微菌门相对丰度显著低于非根际.

属水平上,在已被注释的细菌属中,优势属为中慢生根瘤菌属 (*Mesorhizobium*)、*RB41*、*MND1*、黄杆菌属 (*Flavobacterium*)、*Ellin6067*、*Gaiella*、土壤红色杆菌属 (*Soilrubrobacter*)、*Pir4_lineage*、*Candidatus_Udeaobacter* 和亚硝化螺旋菌属 (*Nitrospira*) (图 6). 由表 3 可知,根际土壤中根瘤杆菌属 (*Rhizobacter*)、慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、鞘

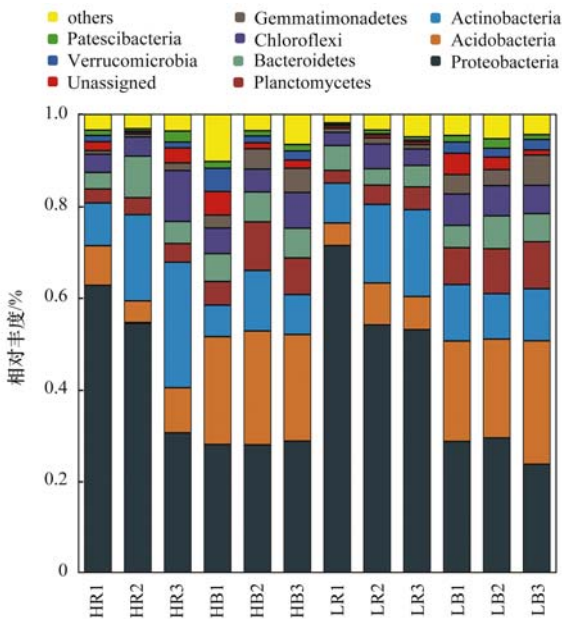


图 5 不同海拔梯度下根际和非根际土壤细菌门水平相对丰度

Fig. 5 Bacterial abundance of rhizosphere and bulk soil at the phylum level at different altitudes

氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)、中慢生根瘤菌属 (*Mesorhizobium*)、*Gaiella*、黄杆菌属 (*Flavobacterium*) 和类诺卡氏菌属 (*Nocardioide*) 相对丰度显著高于非根际,而 *RB41*、小梨型菌属 (*Pirellula*) 和发菌属 (*Terrimonas*) 相对丰度显著低于非根际.

2.5 根际和非根际土壤细菌的功能注释

基于 KEGG 数据库,通过 PICRUSt 软件将 16S rDNA 的 OTU 信息进行功能预测,共获得 6 类一级生物代谢通路,各功能通路在样本中的相对丰度

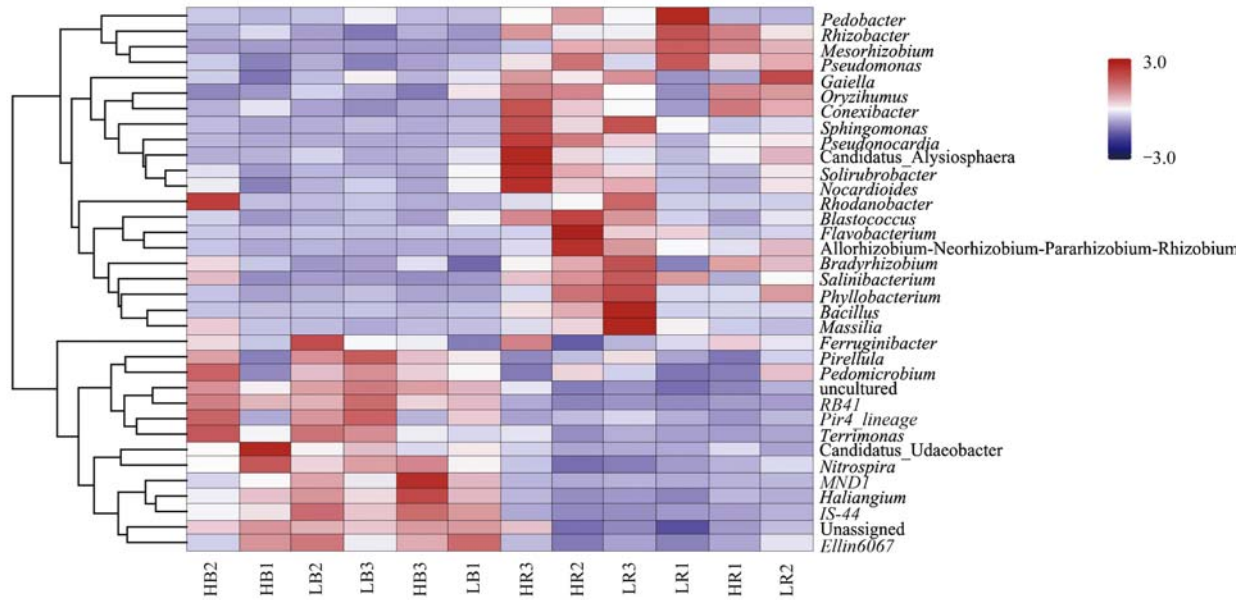


图 6 属水平上不同海拔梯度下根际和非根际土壤细菌群落结构热图

Fig. 6 Heat map of bacterial community structures at genus level in rhizosphere and bulk soil of *C. jubata* at different altitudes

表 3 不同海拔梯度下根际和非根际土壤细菌优势菌群相对丰度差异¹⁾

Table 3 Differences in relative abundances of bacterial phyla and genera in rhizosphere and bulk soil of *C. jubata* at different altitudes

门	属	相对丰度/%	
		根际	非根际
Proteobacteria		0.535 ± 0.047a	0.277 ± 0.006b
	<i>Rhizobacter</i>	0.007 ± 0.001a	0.004 ± 0.000b
	<i>Mesorhizobium</i>	0.338 ± 0.062a	0.026 ± 0.002b
	<i>Pseudomonas</i>	0.004 ± 0.001a	0.002 ± 0.000b
	<i>Sphingomonas</i>	0.007 ± 0.001a	0.002 ± 0.000b
	<i>Massilia</i>	0.005 ± 0.001a	0.002 ± 0.000a
	<i>Bradyrhizobium</i>	0.004 ± 0.001a	0.003 ± 0.000b
Acidobacteria		0.074 ± 0.008b	0.235 ± 0.008a
	<i>RB41</i>	0.015 ± 0.002b	0.097 ± 0.007a
Actinobacteria		0.172 ± 0.022a	0.104 ± 0.007b
	<i>Gaiella</i>	0.011 ± 0.001a	0.007 ± 0.000b
	<i>Nocardioides</i>	0.005 ± 0.001a	0.003 ± 0.000b
Planctomycetes		0.039 ± 0.005b	0.085 ± 0.005a
	<i>Pirellula</i>	0.003 ± 0.000b	0.006 ± 0.001a
Bacteroidetes		0.053 ± 0.009a	0.061 ± 0.003a
	<i>Terrimonas</i>	0.002 ± 0.000b	0.003 ± 0.000a
	<i>Flavobacterium</i>	0.019 ± 0.007a	0.003 ± 0.000b
Chloroflexi		0.053 ± 0.007a	0.064 ± 0.003a
Gemmatimonadetes		0.010 ± 0.001b	0.045 ± 0.003a
Unassigned		0.013 ± 0.003a	0.029 ± 0.005a
Verrucomicrobia		0.007 ± 0.002b	0.027 ± 0.005a
Patescibacteria		0.010 ± 0.002a	0.015 ± 0.001a

1) 数据为平均值 ± 标准误差；同行不同小写字母表示根际和非根际优势菌群差异显著 ($P < 0.05$)，下同

依次为：代谢 (A, metabolism)、环境信息处理 (D, environmental information processing)、人类疾病 (E, human diseases)、有机系统 (F, organismal systems)、遗传信息处理 (B, genetic information processing) 和细胞过程 (C, cellular processes)。表 4 结果显示，根际细菌的代谢、环境信息处理和人类疾病功能基因相对丰度显著高于非根际土壤，而有机系统、遗传信息处理和细胞过程功能基因显著低于非根际土壤。

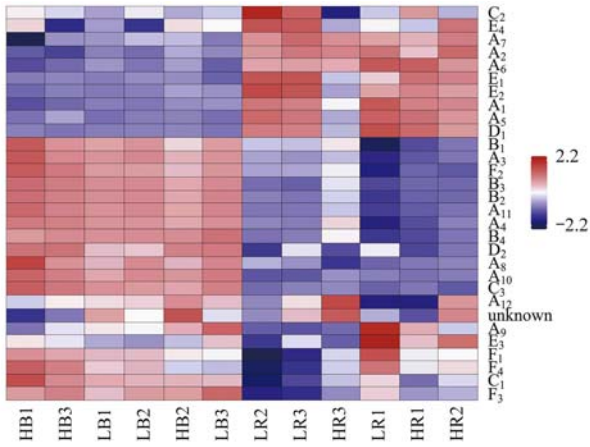
表 4 土壤细菌一级功能基因在不同海拔根际和非根际土壤中相对丰度差异

Table 4 Differences in relative abundances of primary functional genes in rhizosphere and bulk soil of *C. jubata* at different altitudes

一级功能	相对丰度	
	根际	非根际
代谢 (A)	0.824 ± 0.000a	0.812 ± 0.001b
环境信息处理 (D)	0.027 ± 0.001a	0.020 ± 0.000b
人类疾病 (E)	0.006 ± 0.000a	0.004 ± 0.000b
有机系统 (F)	0.002 ± 0.000b	0.003 ± 0.000a
遗传信息处理 (B)	0.101 ± 0.002b	0.120 ± 0.001a
细胞过程 (C)	0.039 ± 0.000b	0.042 ± 0.000a

二级功能预测发现 (图 7)，根际和非根际土壤中均有其他次级代谢产物的生物合成 (A_9 , biosynthesis of other secondary metabolites)、传染病细菌 (E_3 , infectious disease bacterial)、环境适应

(F_1 , environmental adaptation)、免疫系统疾病 (F_4 , immune system)、细胞运动 (C_1 , cell motility) 和消化系统 (F_3 , digestive system) 等 30 个子功能，其中氨基酸代谢 (A_1 , amino acid metabolism) (12.92% ~ 14.50%)、碳水化合物代谢 (A_2 , carbohydrate metabolism) (12.90% ~ 13.72%) 和辅助因子和维生



A_{12} : 转运和分解 (transport and catabolism),
 C_2 : 细胞生长和死亡 (cell growth and death),
 E_2 : 寄生虫传染病 (infectious disease parasitic)

图 7 不同海拔梯度下根际和非根际土壤细菌二级代谢通路功能基因相对丰度热图

Fig. 7 Heatmap of relative abundances of pathway (level II) functional genes in rhizosphere and bulk soil of *C. jubata* at different altitudes

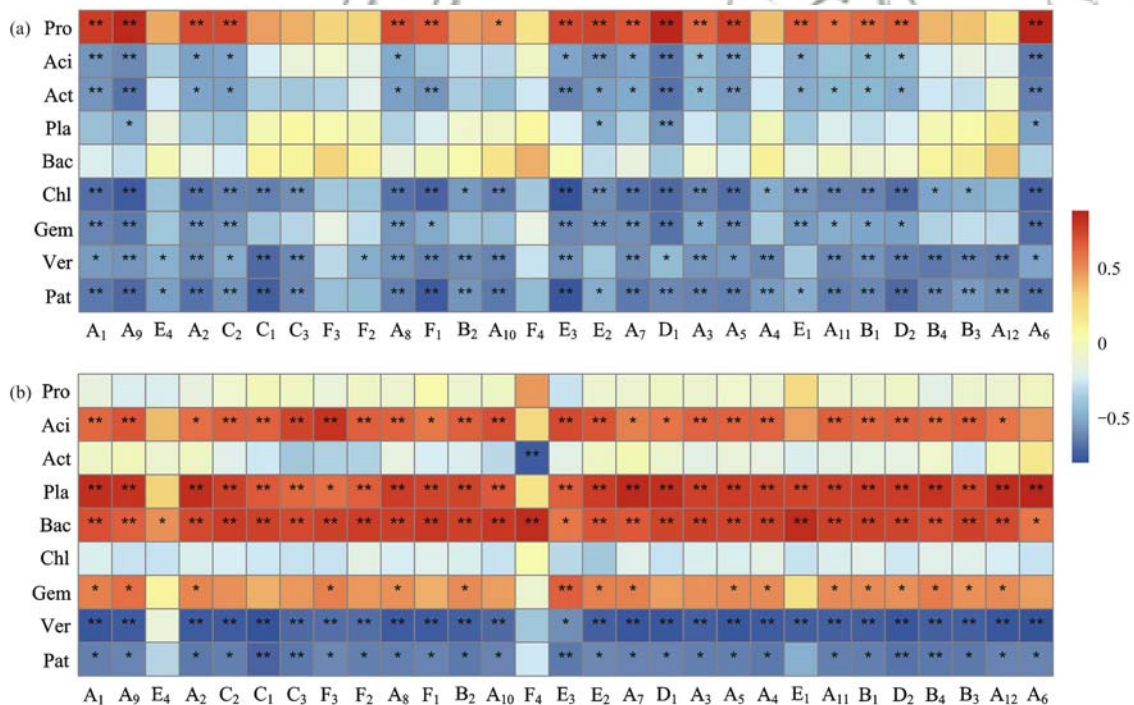
素代谢 (A_3 , metabolism of cofactors and vitamins) (10.47%~12.28%) 为主要子功能. 与非根际相比, 根际细菌的癌症概述 (E_4 , cancer overview)、脂质代谢 (A_7 , lipid metabolism)、碳水化合物代谢、外源物质降解及代谢 (A_6 , xenobiotics biodegradation and metabolism)、神经退行性疾病 (E_1 , neurodegenerative disease)、氨基酸代谢、其他氨基酸代谢 (A_5 , metabolism of other amino acids) 和膜运输 (D_1 , membrane transport) 功能相对丰度显著增加; 复制和修复 (B_1 , replication and repair)、辅助因子和维生素代谢、内分泌系统 (F_2 , endocrine system)、翻译 (B_3 , translation)、折叠分类和降解 (B_2 , folding sorting and degradation)、核苷酸代谢 (A_{11} , nucleotide metabolism)、萜类和酮类化合物代谢 (A_4 , metabolism of terpenoids and polyketides)、转录 (B_4 , transcription)、信号转导 (D_2 , signal transduction)、能量代谢 (A_8 , energy metabolism)、糖的生物合成和代谢 (A_{10} , glycan biosynthesis and metabolism) 和细胞

群落-原核生物 (C_3 , cellular community-prokaryotes) 功能显著降低.

2.6 土壤细菌群落结构与预测功能的关系

不同海拔梯度下, 根际土壤细菌二级代谢通路预测功能基因相对丰度的变化与变形菌门显著正相关, 与酸杆菌门、放线菌门、绿弯菌门、芽单胞菌门、疣微菌门和 Patescibacteria 显著负相关[图 8(a)]. 非根际土壤细菌二级代谢通路预测功能基因相对丰度的变化与酸杆菌门、浮霉菌门、拟杆菌门和芽单胞菌门显著正相关, 与疣微菌门和 Patescibacteria 显著负相关[图 8(b)], 表明这些细菌类群对代谢功能的发挥具有重要作用.

Mantel 检验分析表明, 在根际和非根际土壤中, 不同海拔细菌二级代谢通路预测功能基因组成的差异性(即 β 多样性)与群落结构的差异性(β 多样性)呈显著正相关(图 9), 表明不同海拔下土壤细菌群落结构的差异越大, 其功能基因组成的差异也越大.



(a) 根际; (b) 非根际; Pearson 相关性热图, X 轴和 Y 轴分别为土壤细菌二级代谢通路功能基因丰度和优势菌门, 色柱表示不同 R 值的颜色区间; * 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$; Pro: 变形菌门 (Proteobacteria), Aci: 酸杆菌门 (Acidobacteria), Act: 放线菌门 (Actinobacteria), Pla: 浮霉菌门 (Planctomycetes), Bac: 拟杆菌门 (Bacteroidetes), Chl: 绿弯菌门 (Chloroflexi), Gem: 芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes), Ver: 疣微菌门 (Verrucomicrobia), Pat: Patescibacteria

图 8 不同海拔梯度下根际和非根际土壤细菌二级代谢通路功能基因丰度与优势菌门的相关性热图

Fig. 8 Heatmap of the correlation between the abundance of pathway (level II) functional genes and bacterial phyla in rhizosphere and bulk soil of *C. jubata* at different altitudes

3 讨论

3.1 根际和非根际土壤细菌多样性和群落结构差异研究土壤微生物多样性与海拔梯度分布模式的

关系, 是全面认识和了解环境变化对生态系统影响的关键过程^[23]. 已有研究结果表明, 海拔与土壤细菌多样性存在显著相关性^[9~12]. 然而, 在本研究中, 海拔梯度变化并未对鬼箭锦鸡儿根际和非根际土壤

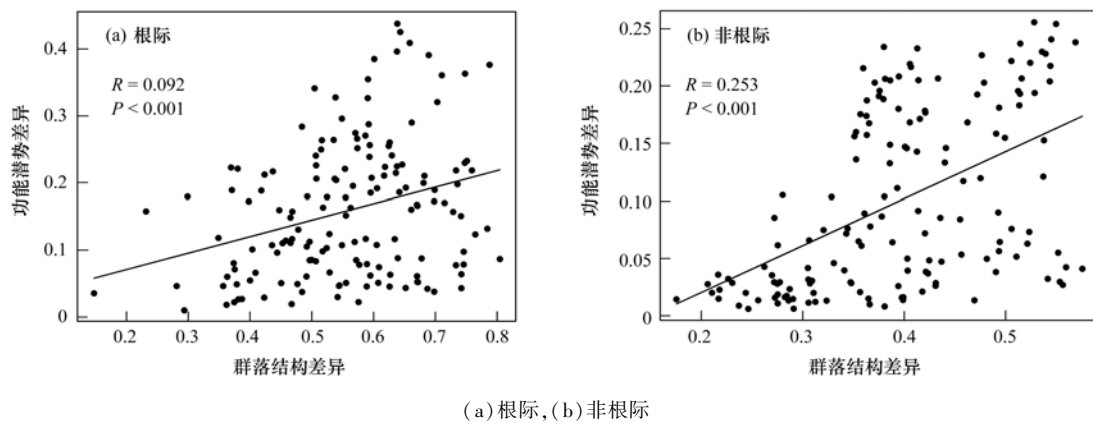


图9 不同海拔梯度下根际和非根际土壤细菌二级代谢通路功能基因组成差异与细菌群落结构差异性的关系

Fig. 9 Relationships between the dissimilarities in the composition of metabolic pathway (level II) functional genes and the dissimilarities in the composition of soil bacterial community structure in rhizosphere and bulk soil of *C. jubata* at different altitudes

细菌多样性产生显著影响(图3),这与Zhang等^[24]、Fierer等^[25]和Shen等^[26]研究的结果一致,说明鬼箭锦鸡儿根际和非根际土壤细菌分布可能不遵循植物和动物沿海拔的变化模式。

根际和非根际土壤微生物多样性的趋异化来源于根系,根系活动对根际土壤微生物群落构建起着重要作用^[27]。植物通过根际沉淀和根系分泌物为根际土壤细菌提供了大量营养物质,选择性地塑造了根际土壤细菌群落结构^[28]。汪其同等^[29]对杨树人工林研究指出,植物根际和非根际土壤细菌群落结构组成中,以纤维素降解菌属和固氮菌属为主的优势属相对丰度具有显著性差异。李岩等^[30]通过研究不同生境黑果枸杞根际和非根际土壤细菌时发现,根际土壤细菌多样性高于非根际土壤。然而,丁新景等^[31]对黄河三角洲刺槐林研究,发现根际土壤细菌Chao1指数低于非根际土壤,这与采样时间为11月,该区域降水较少,植物受干旱胁迫有关。本研究中,鬼箭锦鸡儿根际土壤细菌Chao1指数和香农指数显著低于非根际土壤,可能是由于鬼箭锦鸡儿生长在高海拔地区,植物经常遭受低温和干旱胁迫的影响,促使根系分泌物显著增加,提高了植物根系对根际细菌的选择性,使部分细菌丰度升高,其他细菌丰度降低,进而导致植物非根际土壤细菌多样性高于根际土壤^[29]。

在同一海拔下,鬼箭锦鸡儿根际和非根际土壤细菌群落结构存在显著差异(图4),这是由于植物通过影响根系分泌物的质量,改变了根际土壤性质,进而影响了根际和非根际土壤细菌群落结构组成^[31]。变形菌门、酸杆菌门和放线菌门是研究区三大优势菌群,这与徐忠山等^[32]、马欣等^[2]和杨菁等^[33]对黑土、黄绵土和砂壤土细菌群落优势菌群的研究结果相同,表明变形菌门、酸杆菌门和放线

菌门能够适应各种土壤环境,环境条件变化对其影响较弱。门水平上,根际土壤中变形菌门和放线菌门相对丰度显著高于非根际土壤,而酸杆菌门、浮霉菌门、芽单胞菌门和疣微菌门相对丰度显著低于非根际土壤。变形菌门是土壤中最主要的细菌类群,包含多种代谢种类的细菌,属于r策略细菌(富营养菌),能够增强土壤固氮能力,土壤有机质含量越高,其生长状况越好^[34]。放线菌门为革兰氏阳性细菌,具有降解木质素和分解纤维素的能力^[35]。属水平上:根瘤杆菌属、慢生根瘤菌属、假单胞菌属、鞘氨醇单胞菌属、中慢生根瘤菌属、*Gaiella*、黄杆菌属、类诺卡氏菌属、*RB41*、小梨型菌属和发菌属这11属细菌在根际和非根际土壤中相对丰度差异显著。其中,根瘤杆菌属、慢生根瘤菌属、假单胞菌属、中慢生根瘤菌属和黄杆菌属均为固氮微生物,在根际土壤中相对丰度含量显著高于非根际土壤,这是因为固氮菌能与宿主植物根系形成根瘤固定大气中的氮元素^[36],进而影响了根际土壤中氮素含量。有研究发现,固氮微生物的数量和群落结构组成会对土壤固氮速率和氮循环产生直接的影响,其群落多样性是指示土壤质量状况的重要指标^[37]。

3.2 根际和非根际土壤细菌功能预测

土壤微生物群落是土壤生态功能的基础,可以调节和指示土壤功能基因的变化^[38]。本研究中,土壤细菌共涉及代谢、环境信息处理和人类疾病等6个代谢通路功能基因,分属于30个子功能,其中,代谢功能的相对丰度最高,这与刘晓华等^[39]研究的结果一致,表明代谢通路是细菌群落主要的核心功能。土壤代谢一般以摄取碳水化合物、氨基酸和能量等方式来维持细菌的存活,从而成为细菌群落中最主要的功能基因^[2]。有研究发现,土壤细菌通过代谢活动来参与土壤物质循环与转化,进而促进植物生

长和增加作物产量,如固氮和解磷等作用的发挥是依靠代谢提高根系对氮、磷营养元素的吸收^[40],类诺卡氏菌、链霉菌和芽孢杆菌等能够通过代谢过程产生类抗生素物质、抑制蛋白和植物生长激素等,抑制植物病原菌及促进植物生长^[41]. 研究表明,鬼箭锦鸡儿根际土壤细菌的代谢功能基因显著高于非根际,原因可能与根系活动能够为根际细菌提供更多能量有关. 鬼箭锦鸡儿生长过程中相关代谢途径主要包括脂质代谢、碳水化合物代谢、外源物质降解及代谢、氨基酸代谢和其他氨基酸代谢,其中,碳水化合物代谢是植物通过光合作用产生,可以调控生物体内碳水化合物的代谢形成、分解和转换过程^[42],鬼箭锦鸡儿根际土壤中丰富的固氮菌,能够有效增加土壤碳、氮养分,提高土壤细菌碳水化合物代谢,使其功能基因丰度升高. 氨基酸代谢通过脱氨作用、转氨作用、联合脱氨或脱羧作用分解成 α -酮酸、胺类和二氧化碳,氨基酸代谢与植株氮素的循环密切相关^[40].

土壤细菌的功能基因及其相关过程与群落结构组成密切相关^[43]. 现已发现,变形菌门、绿弯菌门和放线菌门等菌群具有异养生理机能,对土壤养分周转及有机质的分解至关重要^[44]. 林惠瑛等^[45]对亚热带武夷山不同海拔黄山松林土壤细菌群落特征分析,发现土壤细菌二级代谢通路预测基因与变形菌门、绿弯菌门和放线菌门具有显著相关性. 在西藏色季拉山4个不同海拔土壤细菌群落的研究中,发现土壤细菌群落代谢通路基因组成的差异随细菌群落结构而变化^[12]. 本研究中,根际土壤中变形菌门、绿弯菌门和放线菌门与细菌的代谢、遗传信息处理、细胞过程和环境信息处理功能基因具有显著相关性,表明这些细菌对植物土壤细菌群落功能的发挥可能起着关键作用. 同时,鬼箭锦鸡儿土壤细菌群落功能基因的差异与细菌群落结构的差异呈显著正相关,进一步证实了细菌群落结构和预测功能基因存在潜在耦合关系. 此外,其他研究发现,土壤微生物多样性和功能多样性也具有紧密的联系,如Kerfahi等^[46]对日本乘鞍岳研究发现,土壤细菌功能基因多样性与细菌 Shannon 指数存在显著负相关关系. García-García等^[47]研究指出,微生物多样性能够确保群落功能在环境变化时的稳定性. 然而,目前PICRUST预测相关细菌的功能,仍存在较大的局限性,后续可结合宏基因组学测序^[48]与氮磷元素循环功能基因分析,全面分析锦鸡儿属植物在适应高海拔环境过程中细菌的群落功能.

4 结论

鬼箭锦鸡儿根际和非根际土壤中,变形菌门、

酸杆菌门和放线菌门是共同优势菌群,且这3类优势菌在根际和非根际土壤中差异显著. 海拔与根际和非根际土壤细菌多样性指数无显著相关性,但是在同一海拔梯度下,鬼箭锦鸡儿根际和非根际土壤细菌多样性指数差异显著,且土壤细菌群落结构组成也存在显著性差异. 根际土壤细菌一级代谢通路中代谢、环境信息处理和人类疾病功能基因相对丰度显著高于非根际. 土壤细菌二级代谢功能基因与变形菌门、酸杆菌门、放线菌门和绿弯菌门等土壤细菌优势菌群的相对丰度呈显著相关性,且土壤细菌群落功能基因的差异(β 多样性)随着细菌群落结构的差异增大而显著增加,表明细菌群落结构与功能可能具有紧密的联系.

参考文献:

- [1] Cui Y X, Fang L C, Guo X B, *et al.* Responses of soil microbial communities to nutrient limitation in the desert-grassland ecological transition zone[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **642**: 45-55.
- [2] 马欣, 罗珠珠, 张耀全, 等. 黄土高原雨养区不同种植年限紫花苜蓿土壤细菌群落特征与生态功能预测[J]. *草业学报*, 2021, **30**(3): 54-67.
Ma X, Luo Z Z, Zhang Y Q, *et al.* Distribution characteristics and ecological function predictions of soil bacterial communities in rainfed alfalfa fields on the Loess Plateau [J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2021, **30**(3): 54-67.
- [3] Zhou X G, Gao D M, Liu J, *et al.* Changes in rhizosphere soil microbial communities in a continuously monocropped cucumber (*Cucumis sativus* L.) system [J]. *European Journal of Soil Biology*, 2014, **60**: 1-8.
- [4] Nilsson R H, Anslan S, Bahram M, *et al.* Mycobiome diversity: high-throughput sequencing and identification of fungi [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2019, **17**(2): 95-109.
- [5] ABhauer K P, Wemheuer B, Daniel R, *et al.* Tax4 Fun: Predicting functional profiles from metagenomic 16S rRNA data [J]. *Bioinformatics*, 2015, **31**(17): 2882-2884.
- [6] 孙良杰, 齐玉春, 董云社, 等. 全球变化对草地土壤微生物群落多样性的影响研究进展[J]. *地理科学进展*, 2012, **31**(12): 1715-1723.
Sun L J, Qi Y C, Dong Y S, *et al.* Research progresses on the effects of global change on microbial community diversity of grassland soils [J]. *Progress in Geography*, 2012, **31**(12): 1715-1723.
- [7] Delgado-Baquerizo M, Fry E L, Eldridge D J, *et al.* Plant attributes explain the distribution of soil microbial communities in two contrasting regions of the globe [J]. *New Phytologist*, 2018, **219**(2): 574-587.
- [8] 李娜, 王宝荣, 安韶山, 等. 黄土高原草地土壤细菌群落结构对降水变化的响应[J]. *环境科学*, 2020, **41**(9): 4284-4293.
Li N, Wang B R, An S S, *et al.* Response of soil bacterial community structure to precipitation change in grassland of loess plateau [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(9): 4284-4293.
- [9] Shen C C, Gunina A, Luo Y, *et al.* Contrasting patterns and drivers of soil bacterial and fungal diversity across a mountain gradient [J]. *Environmental Microbiology*, 2020, **22**(9): 3287-3301.

- [10] 李玉倩, 马俊伟, 高超, 等. 青藏高原高寒湿地春夏两季根际与非根际土壤反硝化速率及 nirS 型反硝化细菌群落特征分析[J]. 环境科学, 2021, **42**(10): 4959-4967.
Li Y Q, Ma J W, Gao C, *et al.* Denitrification rates and nirS-type denitrifying bacteria community structure characteristics of bulk and rhizosphere soil in spring and summer in the alpine wetlands of the Qinghai-Tibet Plateau [J]. Environmental Science, 2021, **42**(10): 4959-4967.
- [11] Ren C J, Zhang W, Zhong Z K, *et al.* Differential responses of soil microbial biomass, diversity, and compositions to altitudinal gradients depend on plant and soil characteristics[J]. Science of the Total Environment, 2018, **610-611**: 750-758.
- [12] 安前东, 徐梦, 张旭博, 等. 西藏色季拉山垂直植被带土壤细菌群落组成及功能潜势[J]. 应用生态学报, 2021, **32**(6): 2147-2157.
An Q D, Xu M, Zhang X B, *et al.* Soil bacterial community composition and functional potentials along the vertical vegetation transect on Mount Segrila, Tibet, China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2021, **32**(6): 2147-2157.
- [13] 马成仓, 高玉葆, 李清芳, 等. 内蒙古高原荒漠区几种锦鸡儿属(*Caragana*)优势植物的生理生态适应特性[J]. 生态学报, 2007, **27**(11): 4643-4650.
Ma C C, Gao Y B, Li Q F, *et al.* A comparison of ecophysiological characteristics of four dominant *Caragana* species in adaptation to desert habitat of the Inner Mongolia Plateau[J]. Acta Ecologica Sinica, 2007, **27**(11): 4643-4650.
- [14] Intergovernmental Panel on Climate Change. Climate Change 2013-the physical science basis: contribution of working group I to the fifth assessment report of the intergovernmental panel on climate change [M]. Cambridge: Cambridge University Press, 2014.
- [15] 艾喆, 徐婷婷, 李媛媛, 等. 鬼箭锦鸡儿叶片和土壤碳稳定同位素特征及其影响因素[J]. 应用生态学报, 2021, **32**(5): 1744-1752.
Ai Z, Xu T T, Li Y Y, *et al.* Characteristics and influence factors in leaf and soil carbon stable isotopes of *Caragana jubata* [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2021, **32**(5): 1744-1752.
- [16] 李蒙蒙, 刘丹, 刘玉冰. 基于叶片微形态结构评价 10 种锦鸡儿属(*Caragana*)植物的抗旱特征[J]. 中国沙漠, 2016, **36**(3): 708-717.
Li M M, Liu D, Liu Y B. Evaluation on drought-resistant characteristics of ten *Caragana* species based on leaf micromorphological structure [J]. Journal of Desert Research, 2016, **36**(3): 708-717.
- [17] 贺春荣, 郭丽娜, 张怡, 等. 鬼箭锦鸡儿抗血栓活性部位筛选[J]. 中国中药杂志, 2016, **41**(13): 2473-2480.
He C R, Guo L N, Zhang Y, *et al.* Screening of active fractions with antithrombotic effect from *Caragana jubata* [J]. China Journal of Chinese Materia Medica, 2016, **41**(13): 2473-2480.
- [18] Na X F, Xu T T, Li M, *et al.* Bacterial diversity in the rhizosphere of two phylogenetically closely related plant species across environmental gradients [J]. Journal of Soils and Sediments, 2017, **17**(1): 122-132.
- [19] Na X S, Xu T T, Li M, *et al.* Variations of bacterial community diversity within the rhizosphere of three phylogenetically related perennial shrub plant species across environmental gradients[J]. Frontiers in Microbiology, 2018, **9**, doi: 10.3389/fmicb.2018.00709.
- [20] 纳小凡, 郑国旗, 邢正操, 等. 连作对再植枸杞根际细菌群落多样性和群落结构的影响[J]. 土壤学报, 2017, **54**(5): 1280-1292.
Na X F, Zheng G Q, Xing Z C, *et al.* Effects of Monocropping on diversity and structure of the bacterial community in rhizosphere of replanted *Lyciumbarbarum* L. [J]. Acta Pedologica Sinica, 2017, **54**(5): 1280-1292.
- [21] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [22] Walters W, Hyde E R, Berg-Lyons D, *et al.* Improved bacterial 16S rRNA gene (V4 and V4-5) and fungal internal transcribed spacer marker gene primers for microbial community surveys[J]. mSystems, 2016, **1**, doi: 10.1128/mSystems.00009-15.
- [23] Malhi Y, Silman M, Salinas N, *et al.* Introduction: Elevation gradients in the tropics; Laboratories for ecosystem ecology and global change research [J]. Global Change Biology, 2010, **16**(12): 3171-3175.
- [24] Zhang L M, Wang M, Prosser J I, *et al.* Altitude ammonia-oxidizing bacteria and archaea in soils of Mount Everest [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2009, **70**(2): 208-217.
- [25] Fierer N, McCain C M, Meir P, *et al.* Microbes do not follow the elevational diversity patterns of plants and animals[J]. Ecology, 2011, **92**(4): 797-804.
- [26] Shen C C, Xiong J B, Zhang H Y, *et al.* Soil pH drives the spatial distribution of bacterial communities along elevation on Changbai Mountain [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2013, **57**: 204-211.
- [27] Jones R T, Robeson M S, Lauber C L, *et al.* A comprehensive survey of soil acidobacterial diversity using pyrosequencing and clone library analyses [J]. The ISME Journal, 2009, **3**(4): 442-453.
- [28] 吴林坤, 林向民, 林文雄. 根系分泌物介导下植物-土壤-微生物互作关系研究进展与展望[J]. 植物生态学报, 2014, **38**(3): 298-310.
Wu L K, Lin X M, Lin W X. Advances and perspective in research on plant-soil-microbe interactions mediated by root exudates [J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2014, **38**(3): 298-310.
- [29] 汪其同, 朱婉芮, 刘梦玲, 等. 基于高通量测序的杨树人工林根际和非根际细菌群落结构比较[J]. 应用与环境生物学报, 2015, **21**(5): 967-973.
Wang Q T, Zhu W R, Liu M L, *et al.* Comparison on bacterial community of rhizosphere and bulk soil of poplar plantation based on pyrosequencing [J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2015, **21**(5): 967-973.
- [30] 李岩, 何学敏, 杨晓东, 等. 不同生境黑果枸杞根际与非根际土壤微生物群落多样性[J]. 生态学报, 2018, **38**(17): 5983-5995.
Li Y, He X M, Yang X D, *et al.* The microbial community diversity of the rhizosphere and bulk soils of *Lycium ruthenicum* in different habitats [J]. Acta Ecologica Sinica, 2018, **38**(17): 5983-5995.
- [31] 丁新景, 敬如岩, 黄雅丽, 等. 黄河三角洲刺槐根际与非根际细菌结构及多样性[J]. 土壤学报, 2017, **54**(5): 1293-1302.
Ding X J, Jing R Y, Huang Y L, *et al.* Bacterial structure and diversity of rhizosphere and bulk soil of *Robinia pseudoacacia* forests in Yellow River Delta [J]. Acta Pedologica Sinica, 2017, **54**(5): 1293-1302.
- [32] 徐忠山, 刘景辉, 逯晓萍, 等. 秸秆颗粒还田对黑土土壤酶活性及细菌群落的影响[J]. 生态学报, 2019, **39**(12): 4347-4355.
Xu Z S, Liu J H, Lu X P, *et al.* Effects of returning granulated

- corn stover on soil enzyme activities and bacterial community in black soil[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, **39**(12): 4347-4355.
- [33] 杨菁, 周国英, 田媛媛, 等. 降香黄檀不同混交林土壤细菌多样性差异分析[J]. *生态学报*, 2015, **35**(24): 8117-8127. Yang J, Zhou G Y, Tian Y Y, *et al.* Differential analysis of soil bacteria diversity in different mixed forests of *Dalbergia odorifera* [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, **35**(24): 8117-8127.
- [34] Zhang C, Liu G B, Xue S, *et al.* Soil bacterial community dynamics reflect changes in plant community and soil properties during the secondary succession of abandoned farmland in the Loess Plateau[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, **97**: 40-49.
- [35] Piao Z, Yang L Z, Zhao L P, *et al.* Actinobacterial community structure in soils receiving long-term organic and inorganic amendments [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2008, **74**(2): 526-530.
- [36] Reis de Andrade da Silva M S, de Melo Silveira dos Santos B, Hidalgo Chávez D W, *et al.* K-humate as an agricultural alternative to increase nodulation of soybeans inoculated with *Bradyrhizobium*[J]. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, 2021, **36**, doi: 10.1016/j.beab.2021.102129.
- [37] 赵辉, 周运超. 不同母岩发育马尾松土壤固氮菌群落结构和丰度特征[J]. *生态学报*, 2020, **40**(17): 6189-6201. Zhao H, Zhou Y C. Characteristics of structure and abundance of the nitrogen-fixing bacterial community in *Pinus massoniana* soil developed from different parent rocks[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, **40**(17): 6189-6201.
- [38] 刘坤和, 薛玉琴, 竹兰萍, 等. 嘉陵江沿岸带不同土地利用类型对土壤细菌群落多样性的影响[J]. *环境科学*, 2022, **43**(3): 1620-1629. Liu K H, Xue Y Q, Zhu L P, *et al.* Effect of different land use types on the diversity of soil bacterial community in the coastal zone of Jialing River[J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(3): 1620-1629.
- [39] 刘晓华, 魏天兴. 高通量测序分析黄土高原退耕还林区土壤细菌群落特征[J]. *环境科学*, 2021, **42**(9): 4489-4499. Liu X H, Wei T X. High-throughput sequencing analysis of soil bacterial community in the grain for green project areas of the Loess Plateau[J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(9): 4489-4499.
- [40] 杨盼, 翟亚萍, 赵祥, 等. 丛枝菌根真菌和根瘤菌互作对苜蓿根际土壤细菌群落结构的影响及 PICRUSt 功能预测分析[J]. *微生物学通报*, 2020, **47**(11): 3868-3879. Yang P, Zhai Y P, Zhao X, *et al.* Effect of interaction between arbuscular mycorrhizal fungi and *Rhizobium* on *Medicago sativa* rhizosphere soil bacterial community structure and PICRUSt functional prediction[J]. *Microbiology China*, 2020, **47**(11): 3868-3879.
- [41] 汪钱龙, 张德智, 王菊芬, 等. 不同植物促生细菌对玉米生长的影响及其生长素分泌能力研究[J]. *云南农业大学学报*, 2015, **30**(4): 494-498. Wang Q L, Zhang D Z, Wang J F, *et al.* Effects of plant growth-promoting bacterial on the growth of maize and the IAA secrete ability detection[J]. *Journal of Yunnan Agricultural University*, 2015, **30**(4): 494-498.
- [42] 孙晓, 林余霖, 李葆莉, 等. 干旱区沙生药用植物锁阳土壤微生物群落分析与功能预测[J]. *药学报*, 2020, **55**(6): 1334-1344. Sun X, Lin Y L, Li B L, *et al.* Analysis and function prediction of soil microbial communities of *Cynomorium songaricum* in two Daodi-origins[J]. *Acta pharmaceutica Sinica*, 2020, **55**(6): 1334-1344.
- [43] Liang Y T, Xiao X, Nuccio E E, *et al.* Differentiation strategies of soil rare and abundant microbial taxa in response to changing climatic regimes [J]. *Environmental Microbiology*, 2020, **22**(4): 1327-1340.
- [44] Wei H, Peng CH, Yang B, *et al.* Contrasting soil bacterial community, diversity, and function in two forests in China[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, **9**, doi: 10.3389/fmicb.2018.01693.
- [45] 林惠瑛, 周嘉聪, 曾泉鑫, 等. 武夷山黄山松林土壤细菌群落特征沿海拔梯度的分布模式[J]. *生态学杂志*, 2022, **41**(8): 1482-1492. Lin H Y, Zhou J C, Zeng Q X, *et al.* Distribution pattern of soil bacterial community characteristics along an elevational gradient in a *Pinus taiwanensis* forest of Wuyi Mountains [J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2022, **41**(8): 1482-1492.
- [46] Kerfahi D, Dong K, Yang Y, *et al.* Elevation trend in bacterial functional gene diversity decouples from taxonomic diversity[J]. *CATENA*, 2021, **199**, doi: 10.1016/j.catena.2020.105099.
- [47] García-García N, Tamames J, Linz A M, *et al.* Microdiversity ensures the maintenance of functional microbial communities under changing environmental conditions[J]. *The ISME Journal*, 2019, **13**(12): 2969-2983.
- [48] Gibbons S M, Lekberg Y, Mummey D L, *et al.* Invasive plants rapidly reshape soil properties in a grassland ecosystem [J]. *Msystems*, 2017, **2**(2), doi: 10.1128/mSystems.00178-16.

CONTENTS

Impact of Climate Change on Summer Ozone in China	HU An-qi, XIE Xiao-dong, GONG Kang-jia, <i>et al.</i> (1801)
Spatial-temporal Variation and Driving Factors of Ozone in China from 2019 to 2021 Based on EOF Technique and KZ Filter	WANG Hao-qí, ZHANG Yu-fen, LUO Zhong-wei, <i>et al.</i> (1811)
Photochemical Mechanism and Control Strategy Optimization for Summertime Ozone Pollution in an Industrial City in the North China Plain	ZHENG Zhen-sen, DOU Jian-píng, ZHANG Guo-tao, <i>et al.</i> (1821)
Spatiotemporal Evolution Characteristics of PM _{2.5} -O ₃ Compound Pollution in Chinese Cities from 2015 to 2020	NIU Xiao-xiao, ZHONG Yan-mei, YANG Lu, <i>et al.</i> (1830)
Spatiotemporal Distribution Characteristics of Co-pollution of PM _{2.5} and Ozone over BTH with Surrounding Area from 2015 to 2021	SONG Xiao-han, YAN Li, LIU Wei, <i>et al.</i> (1841)
Spatio-temporal Variation in PM _{2.5} Concentration and Its Relationship with Vegetation Landscape Patterns in Typical Economic Zones in China from 2000 to 2020	XU Yong, LI Xin-yi, HUANG Wen-ting, <i>et al.</i> (1852)
Characteristics and Source Apportionment of Atmospheric Ion Deposition During Winter and Spring in the Core Area of Beijing	ZHAO Yu, LI Bei-bei, HUANG Yu-hu, <i>et al.</i> (1865)
Input Characteristics of Dry Deposition of Atmospheric Particulates and Metals in Farmland in the Suburb of Nanjing	LIU Cui-ying, JIN Hao, FAN Jian-ling (1873)
Pollution Characterizations and Oxidative Potentials of Water-Soluble Organic Matters at Different Polarity Levels in Winter PM _{2.5} Over Xi'an	LUO Yu, HUANG Sha-sha, ZHANG Tian, <i>et al.</i> (1882)
Emission Characteristics of Organic Carbon and Elemental Carbon in PM ₁₀ and PM _{2.5} from Vehicle Exhaust and Civil Combustion Fuels	WANG Hong-lei, LIU Si-han, SUN Jie-juan, <i>et al.</i> (1890)
Characteristics and Source Apportionment of PM _{2.5} in the Core Area of Ili River Valley in Spring	GU Chao, XU Tao, MA Chao, <i>et al.</i> (1899)
Evaluation of Changes in PM _{2.5} Exposure Concentration and Health Risk for Urban Resident in Zhengzhou Based on High Spatial Resolution Grids	LI Yuan, XU Yi-fei, YUAN Ming-hao, <i>et al.</i> (1911)
Emission Inventory of Building Material Industry in Henan Province Based on Multi-source Data Integration	LIU Xiao, HU Jing-nan, WANG Hong-mei, <i>et al.</i> (1924)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Atmospheric Volatile Organic Compounds in Winter in Kaifeng City	SHI Yu-qi, ZHENG Kai-yun, DING Wei-ting, <i>et al.</i> (1933)
Changes in O ₃ -VOCs-NO _x Sensitivity and VOCs Sources at an Urban Site of Nanjing Between 2020 and 2021	LU Xiao-bo, WANG Ming, DING Feng, <i>et al.</i> (1943)
Variation Characteristics and Ozone Formation Potential of Ambient VOCs in Urban Beijing in Summer	ZHANG Rui, SUN Xue-song, WANG Yu, <i>et al.</i> (1954)
Chemical Characteristics and Source Apportionment for VOCs During the Ozone Pollution Episodes and Non-ozone Pollution Periods in Qingdao	JIA Zhi-hai, GU Yao, KONG Cui-li, <i>et al.</i> (1962)
Characteristics of O ₃ Production in the Western Suburb of Hefei in Summer Based on the Observation of Total Peroxy Radical	YU Hui, WEI Na-na, XU Xue-zhe, <i>et al.</i> (1974)
Evaluation of Energy Saving and Carbon Reduction Effect of Air Pollution Prevention and Control Action Plan and Innovation Intermediary Effect	LI Shao-lin, WANG Qi-qi (1985)
Scenario Simulation and Effects Assessment of Co-control on Pollution and Carbon Emission Reduction in Beijing	YU Shan, ZHANG Shuang, ZHANG Zeng-jie, <i>et al.</i> (1998)
Simulation of Anthropogenic CO ₂ Emissions in the Yangtze River Delta Based on Different Emission Inventories	MA Xin-yi, HUANG Wen-jing, HU Ning, <i>et al.</i> (2009)
Water Quality Change Trend and Risk Analysis of Wuhan Hanjiang River Water Source	ZHUO Hai-hua, LOU Bao-feng, XU Jie, <i>et al.</i> (2022)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Antibiotics and Resistance Genes in Different Water Sources in the Wuhan Section of the Yangtze River	LI Bo-lin, ZHANG He, WANG Jun, <i>et al.</i> (2032)
Occurrence Characteristics, Sources, and Toxicity Risk Analysis of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Typical Rivers of Northern Shaanxi Mining Area, China	WU Xi-jun, DONG Ying, ZHAO Jian, <i>et al.</i> (2040)
Spatio-temporal Characteristics of Organic Aggregates and the Driving Factors in Typical Lakes	XIE Gui-juan, GONG Yi, ZHU Fu-cheng, <i>et al.</i> (2052)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Microplastics in Water of Different Functional Parks in Guilin	LI Pei-zhao, WU Li, HUANG Fei-fei, <i>et al.</i> (2062)
Environmental Driving Factors and Assessment on the Aquatic Ecosystem of Periphytic Algae of Six Inflow Rivers in Yangtze River Basin	ZHANG Jing, HU Yu-xin, HU Sheng, <i>et al.</i> (2072)
Influence and Driving of Environmental Heterogeneity on the Epilithic Diatom Community in Xiangxi River, a Tributary of the Three Gorges Reservoir Area	JI Lu-lu, ZHAO Lu, OUYANG Tian, <i>et al.</i> (2083)
Characteristics of Phytoplankton Communities and Key Impact Factors in Three Types of Lakes in Wuhan	ZHANG Hao-kun, MIN Fen-li, CUI Hui-rong, <i>et al.</i> (2093)
Effects of Heavy Metal Pollution on the Structure of Microbial Communities in Different Habitats	HE Yi-fan, XIAO Xin-zong, WANG Jia-wen (2103)
Structure and Distribution Characteristics of Bacterial Community in Boqing River Water	WANG Sen, CHEN Jian-wen, ZHANG Hong, <i>et al.</i> (2113)
Effects of Microplastic Exposure on the Community Structure and Function of Symbiotic Bacteria in <i>Sinularia microclavata</i>	LIU Min, CHE Wen-xue, ZENG Ying-xu, <i>et al.</i> (2122)
Distribution Characteristics and Health Risk Assessment of Emerging Contaminants from Raw Water to Drinking Water in Shanghai	YAN Qi (2136)
Adsorption Characteristics of Fluoride in Low-Concentration Water by Aluminum and Zirconium-Modified Biochar	LIU Yan-fang, GAO Wei, LIU Rui, <i>et al.</i> (2147)
Sorption Characteristics and Site Energy Distribution Theory of Typical Estrogens on Microplastics	LIU Jiang-yan, ZHENG Mi-mi, HU Jia-wu, <i>et al.</i> (2158)
Selection and Evaluation of Model Pollutants for Performance Assessment of Advanced Treatment of Industrial Park Wastewater by Ozonation	XIN Bo, SHAN Chao, LÜ Lu (2168)
Identifying Driving Factors and Their Interacting Effects on Sources of Heavy Metal in Farmland Soils with Geodetector and Multi-source Data	ZHANG Hong-ze, CUI Wen-gang, LIU Sui-hua, <i>et al.</i> (2177)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Heavy Metals in Farmland Soils Around the Gangue Heap of Coal Mine Based on APCS-MLR and PMF Receptor Model	MA Jie, SHEN Zhi-jie, ZHANG Ping-ping, <i>et al.</i> (2192)
Contamination and Probabilistic Health Risk Assessment of Heavy Metals in Agricultural Soils Around a Lead-Zinc Smelter	HUANG Jian-bo, JIANG Deng-deng, WEN Bing, <i>et al.</i> (2204)
Prediction of PAHs Content in Soil Around Gas Stations in Beijing Based on BP Neural Network	MA Sai-yan, WEI Hai-ying, MA Jin, <i>et al.</i> (2215)
Spatial-temporal Distribution and Risk Assessment of Quinolones Antibiotics in Soil of Shijiazhuang City	ZHAO Xin-yu, CHEN Hui, ZHAO Bo, <i>et al.</i> (2223)
Accumulation and Pollution Risks of Heavy Metals in Soils and Agricultural Products from a Typical Black Shale Region with High Geological Background	DENG Shuai, DUAN Jia-hui, NING Mo-huan, <i>et al.</i> (2234)
Geochemical Characteristics of Cd in Different Parent Soils in Karst Area and Prediction of Cd Content in Maize	DAI Liang-liang, XU Hong-gen, GONG Hao, <i>et al.</i> (2243)
Pollution Risk and Contribution Analysis of Pb, Cd, and As in Soils and Crops Under Different Land Use Types in Longyan City	WANG Rui, CHEN Nan, ZHANG Er-xi (2252)
Influencing Factors of Cadmium Content in Wheat Grain: A Meta-analysis and Decision Tree Analysis	LIU Na, ZHANG Shao-bin, GUO Xin-yu, <i>et al.</i> (2265)
Response Characteristics of Soil Organic Carbon Pool and Its Chemical Composition During Secondary Forest Succession in the Loess Plateau	LIU Han-yu, LIU Ying-yi, ZHANG Qi, <i>et al.</i> (2275)
Effects of Short-Term Nitrogen and Phosphorus Addition on Soil Respiration Components in a Subalpine Grassland of Qilian Mountains	JIANG Yuan, GAN Xiao-ling, CAO Feng-feng, <i>et al.</i> (2283)
Response of Soil Microbial Diversity to Long-term Enclosure in Degraded Patches of Alpine Meadow in the Source Zone of the Yellow River	YANG Peng-nian, LI Xi-lai, LI Cheng-yi, <i>et al.</i> (2293)
Diversity and Predictive Functional of <i>Caragana jubata</i> Bacterial Community in Rhizosphere and Non-rhizosphere Soil at Different Altitudes	LI Yuan-yuan, XU Ting-ting, AI Zhe, <i>et al.</i> (2304)
Effects of Simulated Acid Rain and Nitrogen Deposition on Soil Bacterial Community Structure and Diversity in the Masson Pine Forest	WANG Nan, QIAN Shao-yu, PAN Xiao-cheng, <i>et al.</i> (2315)
Effects of Phosphogypsum and <i>Suaeda salsa</i> on the Soil Moisture, Salt, and Bacterial Community Structure of Salinized Soil	LIU Yue, YANG Shu-qing, ZHANG Wan-feng, <i>et al.</i> (2325)
Effects of Combined Application of Fungal Residue and Chemical Fertilizer on Soil Microbial Community Composition and Diversity in Paddy Soil	GENG He-tian, WANG Xu-dong, SHI Si-bo, <i>et al.</i> (2338)
Effects of Aeration on Surface Water Nutrient Dynamics and Greenhouse Gas Emission in Different Straw Returning Paddy Fields	HU Jin-hui, XUE Li-hong, QIAN Cong, <i>et al.</i> (2348)
Effects of Exogenous Melatonin Treatment on the Growth and Antioxidant System of Rice Seedlings Under Antimony Stress	CHU Yu-tan, LI Yan, HUANG Yi-zong, <i>et al.</i> (2356)
Life Cycle Prediction Assessment of Energy Saving and New Energy Vehicles for 2035	FU Pei, LAN Li-bo, CHEN Ying, <i>et al.</i> (2365)
Distribution, Sources, and Behavioral Characteristics of Microplastics in Farmland Soil	BO Lu-ji, LI Bing, ZHANG Kai, <i>et al.</i> (2375)
Research Progress on the Remediation Technology of Herbicide Contamination in Agricultural Soils	HU Fang-yu, AN Jing, WANG Bao-yu, <i>et al.</i> (2384)
Research Progress and Prospect of Herbicide Residue Characteristics in Black Soil Region of China	LI Rui, WU Qiu-mei, ZHAO Gui-mei, <i>et al.</i> (2395)